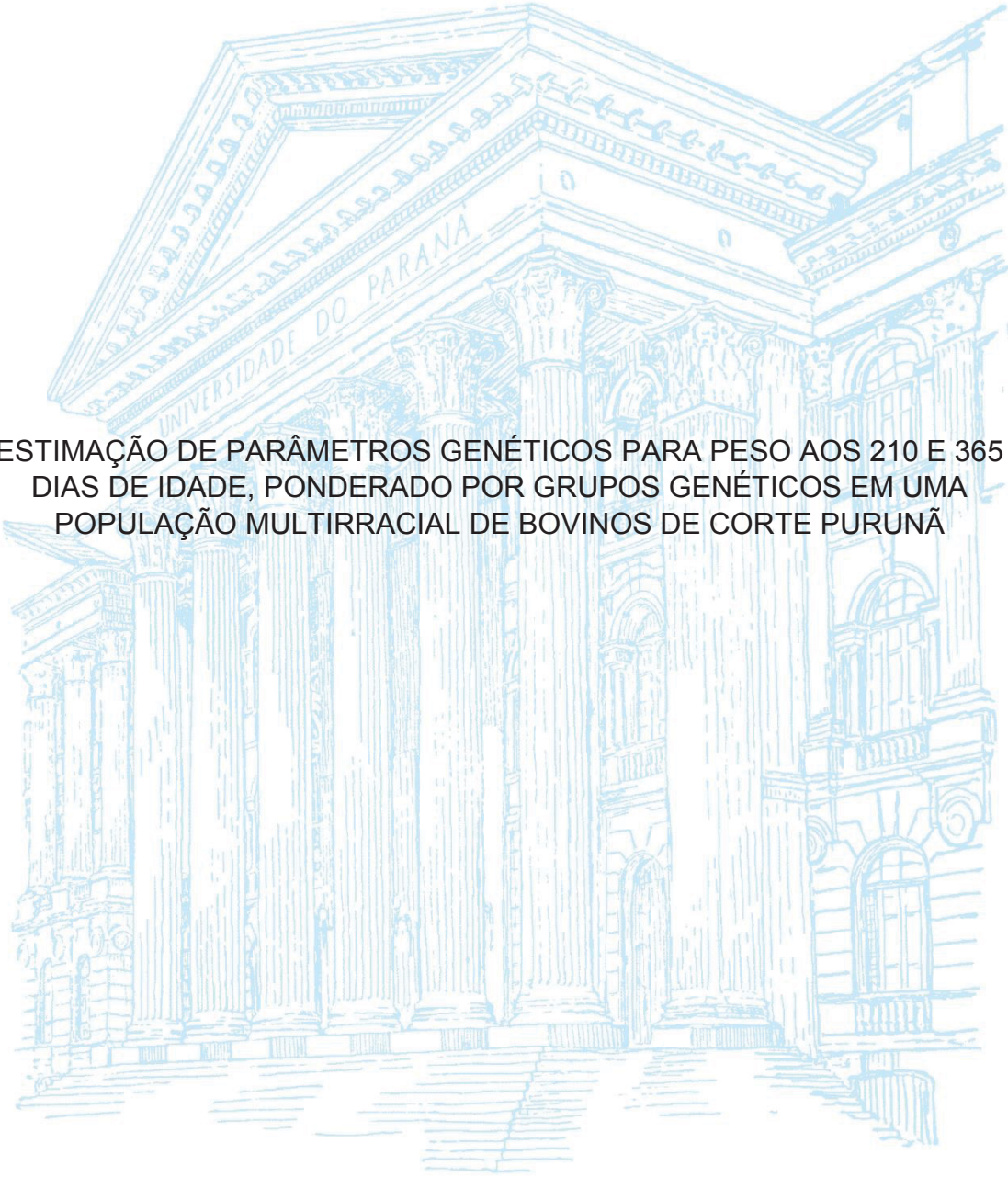


UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ

FELIPE EDUARDO ZANÃO DE SOUZA



ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PESO AOS 210 E 365
DIAS DE IDADE, PONDERADO POR GRUPOS GENÉTICOS EM UMA
POPULAÇÃO MULTIRRACIAL DE BOVINOS DE CORTE PURUNÃ

PALOTINA

2019

FELIPE EDUARDO ZANÃO DE SOUZA

ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PESO AOS 210 E 365
DIAS DE IDADE, PONDERADO POR GRUPOS GENÉTICOS EM UMA
POPULAÇÃO MULTIRRACIAL DE BOVINOS DE CORTE PURUNÃ

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação
em Ciência Animal, área de concentração em Produção
Animal, linha de pesquisa em Nutrição, Manejo Animal,
Forragicultura e Melhoramento Genético, Setor Palotina,
Universidade Federal do Paraná, como parte das exigências
para a obtenção do título de Mestre em Ciência Animal.

Orientador: Prof. Dr. Alexandre Leseur dos Santos.

PALOTINA
2019

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)

S729 Souza, Felipe Eduardo Zanão de
Estimação de parâmetros genéticos para peso aos 210 e 365 dias de idade, ponderando por grupos genéticos em uma população multirracional de bovinos de corte Purunã / Felipe Eduardo de Souza – Palotina, 2019.
41f.

Orientador: Alexandre Leseur dos Santos
Dissertação (mestrado) – Universidade Federal do Paraná, Setor Palotina, Programa de Pós-graduação em Ciência Animal.

1. Avaliação genética. 2. Cruzamento 3. Gado de Corte.
I. Santos, Alexandre Leseur. II. Universidade Federal do Paraná.
III. Título.

CDU 636.2

Ficha catalográfica elaborada por Liliane Cristina Soares Sousa – CRB 9/1736




MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
SETOR PALOTINA
UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO CIÊNCIA ANIMAL -
40001016077P6

TERMO DE APROVAÇÃO


Os membros da Banca Examinadora designada pelo Colegiado do Programa de Pós-Graduação em CIÊNCIA ANIMAL da Universidade Federal do Paraná foram convocados para realizar a arguição da Dissertação de Mestrado de **FELIPE EDUARDO ZANÃO DE SOUZA** intitulada: **ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PESO AOS 210 E 365 DIAS DE IDADE, PONDERADO POR GRUPOS GENÉTICOS EM UMA POPULAÇÃO MULTIRRACIAL DE BOVINOS DE CORTE PURUNÃ**, após terem inquirido o aluno e realizado a avaliação do trabalho, são de parecer pela sua Aprovado no rito de defesa.

A outorga do título de mestre está sujeita à homologação pelo colegiado, ao atendimento de todas as indicações e correções solicitadas pela banca e ao pleno atendimento das demandas regimentais do Programa de Pós-Graduação.

PALOTINA, 28 de Junho de 2019.


ALEXANDRE LESEUR DOS SANTOS
Presidente da Banca Examinadora (UFPR)


JOSÉ ANTÔNIO DE FREITAS
Avaliador Interno (UFPR)


JOSÉ LUIS MOLETTA
Avaliador Externo (IAPAR)

RESUMO

A estimação de parâmetros genéticos é uma importante ferramenta dentro do melhoramento genético animal para seleção de animais propícios a manter e/ou melhorar determinadas características dentro de um rebanho. O objetivo do presente trabalho foi estimar parâmetros genéticos de bovinos de corte compostos da raça Purunã, que originaram o rebanho da raça, em diferentes idades: aos 210 e aos 365 dias de idade e, propiciar a avaliação genética através de modelo animal que inclui o desempenho na pesagem anterior ao da característica analisada, idade da vaca ao parto (linear e quadrática), grupos de contemporâneos e grupo genético a qual o animal pertence. Os grupos de contemporâneos foram formados através do mês e ano de nascimento dos animais. Os dados para o presente trabalho foram fornecidos pelo Instituto Agrônomo do Paraná – IAPAR e pela Associação Brasileira de Criadores do Purunã – ABCP, e foram vistoriados pelos *softwares* SAS (Statistical Analysis System) e Excel para verificação de possíveis *outliers*. A avaliação genética se deu através dos pacotes do *software* BLUPF90, que implementa o método de modelos mistos por meio de Inferência Bayesiana, com verificação da convergência pelo *software* estatístico R. As análises foram unicaracterísticas. Os parâmetros genéticos estimados para a característica de peso aos 210 dias de idade foram de 189,03, 113,15 e 558,64 para as variâncias genética aditiva, materna e residual, respectivamente, resultando em valores de 0,22 e 0,13 para herdabilidade direta e materna. Na característica de peso aos 365 dias de idade foram estimados valores de 135,28 e 1005,54 para variância genética aditiva e residual, resultando em uma herdabilidade de 0,12. Os resultados variam quando comparados a outros trabalhos com bovinos puros e/ou cruzados, para ambas as características estudadas. Essa variação nos resultados, em sua maioria, pode ser explicada pela diferença no número de informações e no modelo animal utilizado para a avaliação genética, podendo levar a diferenças nas variâncias e consequentemente nas herdabilidade, além das diferenças genéticas entre as populações. Os valores de herdabilidade encontrados são de baixa a média magnitude para as características de desempenho peso a desmama e peso ao ano, mas demonstram que existe variação genética e que ambas as características respondem a seleção.

Palavras-chave: avaliação genética, cruzamento, gado de corte.

ABSTRACT

The estimation of genetic parameters is an important tool within the animal genetic improvement for the correct selection of conducive animals to maintain and / or improve certain traits within a herd. The aim of the present study was to estimate genetic parameters of Purunã breed multibreed beef cattle, which originated the herd of the breed, at different ages: at 210 and 365 days of age and, to provide the genetic evaluation through an animal model that includes the performance at the weighing previous to the traits analyzed, the age of the cow at calving (linear and quadratic), contemporary groups and the genetic group to which the animal belongs. The contemporary groups were formed through the month and the year of the animals birth. The data for the present study were belonged to the Agronomic Institute of Paraná – IAPAR and by the Brazilian Association of Purunã Breeders – ABCP, and were analysed by the SAS (Statistical Analysis System) and Excel software to check possible outliers. The genetic evaluation were done by software packages BLUPF90, which implements the mixed-model method by means of Bayesian Inference, with the verification of convergence by the statistical software R. It were used one character analyse. The genetic parameters estimated for the traits to 210-day weights of age were 189,03, 113,15 and 558,64 for the additive, maternal and residual genetic variances, respectively, resulting in values of 0,22 and 0,13 for direct and maternal heritability. In the 365 days of age weight traits, values of 135,28 and 1005,54 were estimated for additive and residual genetic variance, resulting in a heritability of 0,12. The results vary when compared to other studies with pure and / or cross cattle for both traits studied. This variation in the results can be explained in part by the difference in the number of information and the animal model used for the genetic evaluation, which can lead to differences in variances and consequently in heritability, as well as genetic differences among populations. The heritability values found are of low to medium magnitude for performance, weaning weight and weight per year traits, but they demonstrate that there is genetic variation and that both traits respond to the selection.

Keywords: beef cattle, crossbreeding, genetic evaluation.

LISTA DE ABREVIATURAS

ABCP – Associação Brasileira de Criadores do Purunã

BLUP – *Best Linear Unbiased Prediction*

CODA – *Convergence Diagnosis and Output Analysis*

DEP – Diferença Esperada na Progenie

DNA – Ácido desoxirribonucleico

FIV – Fertilização *In Vitro*

F1 – Produto do cruzamento entre duas raças distintas

GC – Grupo de Contemporâneo

IA – Inseminação Artificial

IAPAR – Instituto Agrônômico do Paraná

MAPA – Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento

Matriz G – Matriz aditiva

Matriz R – Matriz residual

PIB – Produto Interno Bruto

SAS – *Statistical Analysis System*

TE – Transferência de Embriões

TEC – Toneladas equivalente carcaça

@ – arroba

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Ponderação de acordo com o grupo genético.

Tabela 2 – Desempenho médio para cada pesagem de acordo com o grupo genético.

Tabela 3 – Resultados estimados dos parâmetros genéticos para peso aos 210 e 365 dias de idade.

SUMÁRIO

INTRODUÇÃO	9
REVISÃO DE LITERATURA	11
1. Criação de novas raças	12
2. Características de desempenho em bovinos de corte	13
2.1 Peso aos 210 dias	13
2.2 Peso aos 365 dias	14
3. Avaliação Genética	14
3.1 Inferência Bayesiana	16
3.2 Software BLUPF90	16
OBJETIVO GERAL	18
OBJETIVOS ESPECÍFICOS	18
CAPÍTULO I – ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PESO A DESMAMA E AO ANO EM BOVINOS CRUZADOS PURUNÃ	19
INTRODUÇÃO	21
MATERIAL E MÉTODOS	22
RESULTADOS E DISCUSSÃO	28
CONCLUSÃO	35
CONSIDERAÇÕES	36
REFERÊNCIAS	37

INTRODUÇÃO

A produção de bovinos de corte é uma atividade de grande expressão em diversas partes do mundo. Atualmente o Brasil possui o maior rebanho de bovinos do mundo, com 221,8 milhões de cabeça, é o maior exportador (exporta 20,9% de toda sua produção) e o segundo maior produtor de carne bovina. Os Estados Unidos é o maior produtor e possuem menos da metade da população de bovinos comparado ao Brasil, sinais da alta tecnificação, sistemas intensivos de produção e investimentos em diversas áreas, como genética, nutrição e sanidade do seu rebanho de bovinos. No ano de 2017, o PIB – Produto Interno Bruto brasileiro foi de 6,56 trilhões de reais, sendo que desse total, 1,42 trilhões foram resultado do agronegócio. Dentro do PIB agropecuário, a pecuária foi responsável por 30,6% do total (ABIEC, 2018).

É notório o crescimento da participação brasileira no mercado internacional, em função da profissionalização da atividade, rígido controle de doenças, custo baixo, qualidade do produto e desvalorização cambial, tornando-se em 2004 o maior exportador desta carne, posição essa que mantém até os dias atuais (CARVALHO & ZEN, 2017). Os principais países importadores do produto brasileiro são: Hong Kong, China, União Européia, Irã, Egito e Rússia, com 24%, 15%, 11%, 9%, 8% e 8%, respectivamente, de todo o volume exportado pelo Brasil (2,032 TEC) (ABIEC, 2018).

Com o aumento expressivo da população mundial, a demanda por alimentos de alta qualidade nutricional vem aumentando. A seleção de animais com características desejáveis pode contribuir para a melhoria da cadeia produtiva, atendendo às exigências do consumidor por um produto de melhor qualidade e com maior eficiência na produção.

A evolução do melhoramento genético animal tem sido fortemente influenciada pelo avanço nas biotécnicas de reprodução, o uso das tecnologias da computação eletrônica e técnicas de biologia molecular, como a manipulação de DNA (PEROTTO, 2000). O melhoramento genético de bovinos de corte, é demorado, porém permanente, podendo também apresentar custos elevados (BARROS JÚNIOR et al., 2016).

O IAPAR desde 1980 vem trabalhando com as raças Angus, Canchim, Caracu e Charolês na formação de uma nova raça de bovinos, com boas características produtivas e adaptado ao ambiente. Através dos cruzamentos entre as raças, verificou-se níveis de heterose que superaram as expectativas entre os produtos oriundos dos cruzamentos Charolês x Caracu e Angus x Canchim. A partir de 1996, iniciou-se uma segunda fase no projeto para formação de uma população multirracial de bovinos de corte, cruzando os produtos (F1) dos dois cruzamentos citados anteriormente. Em 2016, o produto oriundo desse cruzamento duplo entre quatro raças, o Purunã, foi reconhecido oficialmente pelo MAPA – Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (Portaria nº 249, de 21 de Novembro de 2016).

REVISÃO DE LITERATURA

Os primeiros bovinos chegaram ao nosso país em 1533, em expedições de origem portuguesa, e durante o mesmo século, a corte real portuguesa incentivava a exportação de gado para o Brasil. A cultura pecuária se infiltrou na cultura local, com relatos de curtumes em 1600 e produção de queijo em 1700. Nas expedições, também vieram especialistas da Europa trazidos ao Brasil para a confecção e uso dos “carros de boi”, fundamentais para o transporte de pessoas, mercadorias e edificação de cidades (SCHLESINGER, 2009; SILVA et al. 2012).

Entre os séculos XVII e XVIII, a introdução e disseminação de gado eram correlatas ao crescimento populacional humano e à busca por áreas de mineração. A tendência da época era a criação de gado rumo ao interior e a produção de açúcar na região litorânea. A bovinocultura seria, portanto, uma economia secundária (SCHLESINGER, 2009; SILVA et al. 2012).

A produção animal resulta da ação conjunta de forças com origem genética e ambiental, com altos níveis de produção resultantes do melhoramento de ambas. A parte genética é o fator que limita a capacidade de resposta dos animais aos processos de seleção. É indispensável compatibilizar a parte genética com as condições ambientes da exploração animal (PEREIRA, 2008).

O melhoramento genético animal é um conjunto de processos que visam aumentar a frequência de genes desejáveis dentro de uma população e, conseqüentemente, diminuir a frequência dos genes indesejáveis, com o intuito de aumentar a média de produção dos animais em determinada característica. É um importante aliado da pecuária de corte, buscando maior produtividade no sistema de produção e melhoria da qualidade do produto.

No melhoramento de gado de corte, se preconiza características de desempenho, que são de fácil mensuração e demonstram bastante acurácia sob a qualidade do sistema de produção. O peso é um critério de seleção importante na bovinocultura de corte (PASSAFARO et al., 2016). Características de peso em diferentes idades, apresentam alta correlação entre elas, e por apresentarem valores de herdabilidade de média a alta magnitude, apresentam boa resposta a seleção.

1. Criação de novas raças

Buscando o aperfeiçoamento da produção e da qualidade do produto oferecido ao mercado, o melhoramento genético modifica as frequências gênicas e genótípicas da população, visando o aumento da frequência dos genes desejáveis à produtividade (LÔBO, 2007). Para chegarmos a esta finalidade, nos utilizamos de duas ferramentas básicas para o sucesso de um programa de melhoramento: a seleção dos reprodutores e os métodos de acasalamento (FACO & VILLELA, 2005).

Uma das principais estratégias do melhoramento é o cruzamento entre animais de diferentes raças, possibilitando o aproveitamento da heterose e a complementariedade entre as raças. A maioria das populações bovinas tem sido e continua a ser produzida por cruzamentos, por absorção a uma das raças parentais ou para a produção de um genótipo composto com frações de várias raças (ELZO & BORJAS, 2004). Animais cruzados são de grande adaptação às condições climáticas e de manejo às quais são submetidos (MENEZES et al, 2013).

Quando se busca a formação de novas raças, na maioria dos acasalamentos, os mesmos são utilizados linhagens distintas. Logo, com o uso dos cruzamentos entre linhagens, visa-se o aproveitamento da heterose e da complementariedade entre as raças. O grau de heterose obtido nos cruzamentos depende do nível de heterozigose materna e individual, do distanciamento genético entre as raças envolvidas, das frequências gênicas na população, da característica em questão e das interações com o ambiente (FRIES, 1996).

Queiroz et al. (2012) citou entre as principais vantagens do cruzamento: a produção de heterose e a complementariedade. Para os autores, a heterose expressa o desvio do desempenho das progênes multirraciais comparada com a média das raças puras dos progenitores, e a complementariedade é a busca por otimização do mérito genético aditivo de um genótipo através da harmonização de características de desempenho e adaptabilidade dos recursos genéticos aos recursos do ambiente.

Indo contra o aumento da heterozigose e suas vantagens já citadas anteriormente, dentro dos cruzamentos também ocorre a endogamia ou

consanguinidade, que se caracteriza pelo aumento de genes homozigotos dentro de uma população, provocando a manifestação de alelos deletérios quando não desejada a endogamia. Este fenômeno vem se intensificando na bovinocultura de corte pelo uso de biotecnologias reprodutivas como IA, TE e FIV (QUEIROZ et al., 2012).

Busca-se também a adequação de um genótipo ao ambiente de interesse. Nesse sentido o IAPAR vem trabalhando há mais de 35 anos na formação da raça Purunã. Produzida através do cruzamento entre as raças Charolês, Caracu, Aberdeen Angus e Canchim, buscando-se agregar características relevantes de cada grupo genético, como velocidade de ganho de peso do Charolês, rusticidade do Canchim, docilidade, precocidade e boa habilidade materna para fêmeas providas do Caracu e Aberdeen Angus e qualidade de carcaça pelo acúmulo de gordura de marmoreio também do Aberdeen Angus (IAPAR, 2014).

A raça é um resultado de um cruzamento duplo entre quatro raças, onde o produto do cruzamento de duas raças puras (Canchim (Cn) e Angus (An)) acasala com o descendente de outro cruzamento entre duas raças puras (Charolês (Ch) e Caracu (Ca)), gerando um animal $\frac{1}{4}$ Cn, $\frac{1}{4}$ An, $\frac{1}{4}$ Ch e $\frac{1}{4}$ Ca, ou 25% de cada grupamento genético, que após o cruzamento de 3 gerações entre esses animais, produz o animal puro Purunã. Considerando que o Canchim já é um animal resultante de um cruzamento ($\frac{3}{8}$ Nelore (Ne) e $\frac{5}{8}$ Charolês (Ch)), o animal Purunã pode contar com um genótipo $\frac{8}{32}$ Ca, $\frac{8}{32}$ An, $\frac{13}{32}$ Ch e $\frac{3}{32}$ Ne, ou 25% Ca, 25% An, 40% Ch e 10% Ne.

2. Características de desempenho em bovinos de corte

Na bovinocultura de corte, características de desempenho apresentam fácil mensuração. O peso é uma das características que melhor reflete o desempenho do animal, e apresenta alta correlação com as condições do ambiente e a genética do animal.

2.1 Peso aos 210 dias

O peso aos 210 dias, conhecido como peso à desmama, é aferido dos 6 aos 9 meses de idade dos bezerros, momento em que o mesmo está sendo separado da mãe. A partir desse momento, o efeito materno da fêmea no desempenho do bezerro é praticamente nulo.

A criação de bezerros do nascimento até o momento do desmame requer grande atenção. Os cuidados se iniciam ainda com a matriz na fase gestacional para um bom desenvolvimento do feto no ambiente uterino, e depois na fase de aleitamento para uma produção de leite adequada para o bezerro. Após o nascimento do bezerro alguns cuidados no manejo são essenciais, tais como a cura do umbigo e o fornecimento do colostro.

A desmama costuma ser feita entre os 6 a 8 meses de idade no gado de corte, depende do manejo adotado pela propriedade que realiza a cria dos bezerros. A partir desse momento, o animal já consegue se manter com alimentação sólida e não depende mais dos nutrientes vinculados ao leite da vaca. É um momento de muito estresse ao bezerro, e geralmente é feita de forma abrupta.

O efeito materno está ligado ao ambiente materno, a produção de leite e os cuidados dedicados à cria, apresentando correlações positivas com pesos às idades subsequentes (ROSA et al., 2013). A exclusão dos efeitos maternos nas avaliações genéticas até o desmame podem superestimar o efeito genético aditivo.

2.2 Peso aos 365 dias

Esta característica de desempenho reflete diretamente o desempenho do bezerro no período imediatamente após a desmama. A pesagem é realizada próxima aos 365 dias de vida do animal. Características pós-desmama são importantes no estudo do desempenho ponderal de bovinos de corte manejados a campo, pois é nesta fase que os animais podem desenvolver seu potencial genético para crescimento, sem influência dos efeitos maternos (PEROTTO et al., 2001).

3. Avaliação Genética

A avaliação genética é uma ferramenta muito útil no melhoramento genético, utilizada para estimar o mérito genético de cada indivíduo incluído na avaliação, visando a identificação de indivíduos geneticamente superiores.

Para a execução correta da mesma, iniciamos desde o correto processo de observação e registro das características economicamente importantes, até

a obtenção das predições das diferenças esperadas nas progênes (DEP's) (ROSA et al., 2013).

As avaliações genéticas têm fornecido cada vez mais informações para as indústrias de produção animal, com o auxílio das comunidades científicas e da indústria privada, que trabalham para que estas informações sejam usadas por produtores, auxiliando na tomada de decisões e incrementando a produtividade (FARIA et al., 2008).

A maioria das metodologias para uma correta avaliação genética não se aplica a animais cruzados, sendo que a maioria assume que todos os animais da população pertencem a uma única raça. Grande parcela das populações bovinas tem sido e continua a ser produzida por cruzamentos, composto com frações de várias raças (ELZO & BORJAS, 2004), o que tem dificultado a aplicação de avaliações à nível de rebanhos mestiços e muitas vezes inviabilizando análises ou impedindo que produtores com interesse em melhorar a qualidade do seu rebanho possa entrar nos programas de melhoramento genético animal.

Com base nestas ou em outras dificuldades, a avaliação genética de populações compostas, deve-se considerar que os efeitos genéticos não-aditivos entre raças devem ser importantes em algumas características e a heterogeneidade de variâncias e covariâncias pode existir entre os grupos raciais (puros e cruzados). Quando usados procedimentos intra-raciais para analisar dados multirraciais, estes não explicam os efeitos genéticos não-aditivos, pois assume que todos os animais pertencem ao mesmo grupo genético (ELZO & BORJAS, 2004).

Um dos recursos mais usados para se modificar o potencial genético dos rebanhos é a seleção, tendo que ser feita corretamente através de um correto acompanhamento dos parâmetros estimados na avaliação genética do rebanho, para determinada característica. A seleção visa a escolha dos melhores animais dentro do rebanho avaliado para produzirem descendentes com desempenho igual ou superior ao dos pais, utilizando-se da heterose e complementariedade.

3.1 Inferência Bayesiana

Para uma correta estimação dos parâmetros genéticos, vários métodos já foram propostos, e é essencial identificar um método estatístico adequado e que melhor reflita o comportamento biológico das características em estudo. O teorema de Bayes fundamenta-se em probabilidades condicionais.

O método bayesiano foi introduzido por Daniel Gianola (1986). O autor propõe a abordagem Bayesiana como estratégia conceitual para resolver problemas decorrentes da teoria de melhoramento animal.

A análise Bayesiana propicia estimativas mais precisas de componentes de variância, parâmetros genéticos, valores genéticos e ganhos genéticos, além de permitir a análise exata de amostras de tamanho finito, propiciando a análise de dados desbalanceados (EMBRAPA, 2000).

Os fundamentos do método bayesiano consistem em descrever todos os erros que podem existir em torno de um parâmetro, usando como medida do erro a probabilidade de que o parâmetro tome determinados valores (FARIA et al., 2007). Ou seja, consiste em descrever erros que possam existir em torno da estimativa de um parâmetro, usando como medida do erro a probabilidade de que o parâmetro apresente determinado valor (GARNERO et al., 2013).

3.2 Software BLUPF90

A complexidade dos modelos usados ou considerados para uso na avaliação genética está aumentando. Para suportar grandes conjuntos de dados, os programas precisam ser eficientes, o que geralmente significa complicado e difícil de modificar (MISZTAL, 1999).

O BLUPF90 é um grupo de *softwares* para cálculos de modelos mistos com foco na avaliação genética animal, com capacidade para suportar grandes conjuntos de dados, minimizando erros e facilitando modificações (MISZTAL et al., 2015). Os programas suportam uma ampla gama de modelos, incluindo aqueles com múltiplos efeitos correlacionados, múltiplos modelos animais e dominância, e podem ser modificados para suportar novos recursos (MISZTAL, 2002). Para avaliação de modelos mais complexos lança-se mão da metodologia Bayesiana no pacote BLUPF90, permitindo interações e ciclos de Monte Carlo via Cadeias de Markov.

O pacote RENUMF90 realiza uma renumeração e organização do conjunto de dados, para posterior leitura pelo pacote GIBBS1F90, que é o pacote responsável pela implementação da amostragem de Gibbs Sampling e criação dos modelos mistos (MISZTAL et al., 2015).

OBJETIVO GERAL

O presente trabalho tem como objetivo estimar parâmetros genéticos de bovinos de corte de uma população multirracial, formadora da raça Purunã, em diferentes idades, propiciando a avaliação genética com um modelo que inclui o desempenho anterior ao da característica em análise, idade da vaca ao parto (linear e quadrática), grupos de contemporâneos e grupo genético a qual o animal pertence.

OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Realizar a avaliação genética para estimação dos parâmetros genéticos de uma população de bovinos compostos cruzados e puros da raça Purunã para as características de peso ao desmame (210 dias) e ao ano (365 dias), em modelo que inclui os grupos genéticos ao qual cada indivíduo pertence.

- Desenvolver uma metodologia adequada para avaliação genética de animais compostos.

CAPÍTULO I – ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PESO A DESMAMA E AO ANO EM BOVINOS CRUZADOS PURUNÃ.

Objetivou-se com este trabalho estimar os parâmetros genéticos para peso ao desmame e ao ano em bovinos de corte utilizados na formação da raça Purunã. Os dados para o presente estudo foram fornecidos pelo Instituto Agrônomo do Paraná – IAPAR. O banco de dados conta com informações de 8930 animais, e desses, 7309 com informação de peso aos 210 dias e 6030 de peso aos 365 dias. Os grupos de contemporâneo foram formados pelo mês e ano de nascimento dos animais. Foram classificados também em grupos genéticos, com base na sua composição genética nas diferentes raças (Caracu, Charolês, Angus e Canchim). A avaliação genética realizada foi unicaracterística. O modelo animal utilizado inclui o desempenho anterior ao da característica em análise, idade da vaca ao parto (linear e quadrática), grupos de contemporâneos e grupo genético a qual o animal pertence. Para a formação dos grupos de contemporâneos, foram utilizadas as datas de nascimento, separados por mês e ano de nascimento. A avaliação genética foi realizada por meio dos *softwares* da família BLUPF90 (Misztal et al., 2015). Para a característica de peso aos 210 dias de idade as variâncias estimadas foram 189,03, 113,15 e 558,64 para as variâncias genética aditiva, materna e residual, respectivamente, resultando em herdabilidade direta e materna de 0,22 e 0,13. No peso aos 365 dias de idade, a variância genética aditiva estimada foi de 135,28 e residual de 1005,54, resultando em herdabilidade direta de 0,12. Para ambas as características os valores são semelhantes aos encontrados na literatura para animais cruzados. As características avaliadas demonstram variação genética, verificada pelas estimativas dos parâmetros genéticos. O modelo animal utilizado demonstrou-se eficiente para realização da avaliação genética dos pesos ao desmame e ao ano de bovinos da raça Purunã, apresentando-se como uma alternativa para avaliação genética de bovinos oriundos de linhagens sintéticas.

Palavras-chave: avaliação genética, BLUPF90, peso a desmama, peso ao ano, Purunã.

CHAPTER I – ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS FOR WEANING WEIGHT AND EARLING IN PURUNÃ CROSS-BREED CATTLE.

The aim of this study was to estimate the genetic parameters for weaning weight and earling in beef cattle used in the formation of the Purunã breed. The data for the present study were provided by the Agronomic Institute of Paraná – IAPAR. The database has information on 8930 animals, and of these, 7309 with information of weight at 210 days and 6030 of weight at 365 days. They were also classified by genetic groups, based on their genetic composition in the different breeds (Caracu, Charolês, Angus and Canchim), and their multiple crossbreed. The genetic evaluation accomplished was one-character. The animal model used includes performance previous to the traits under analysis, cow age at calving (linear and quadratic), contemporary groups and genetic group to which the animal belongs. For the formation of contemporary groups, the dates of birth were used, separated by month and year of birth. The genetic evaluation has been done by software packages BLUPF90. The genetic parameters estimated for the traits to 210-day weights of age were 189.03, 113.15 and 558.64 for the additive, maternal and residual genetic variances, respectively, resulting in values of 0.22 and 0.13 for direct and maternal heritability. In the 365 days of age weight traits, values of 135.28 and 1005.54 were estimated for additive and residual genetic variance, resulting in a heritability of 0.12. For both traits the values are similar to those found in the literature for crossbred animals. The evaluated traits demonstrate genetic variation, verified by the genetic parameters estimates. The animal model used was efficient to perform the genetic evaluation of weaning weight and earling of Purunã cattle, presenting as an alternative for the genetic evaluation of cattle from synthetic breeds.

Keywords: BLUPF90, genetic evaluation, Purunã, weaning weight, earling.

INTRODUÇÃO

O melhoramento genético animal no gado de corte, preconiza a melhora de características de desempenho que são de fácil mensuração e demonstram bastante acurácia sob a qualidade do sistema de produção.

Uma das principais estratégias utilizada para melhorar o desempenho em rebanhos sob condições que não favorecem seu desempenho é o uso dos cruzamentos entre diferentes grupos genéticos, utilizando-se da heterose e da complementariedade entre os diferentes grupos genéticos.

O IAPAR vem trabalhando há mais de 35 anos na formação da raça Purunã. Produzida através do cruzamento entre as raças Charolês, Caracu, Aberdeen Angus e Canchim, busca-se agregar características relevantes de cada grupo genético (IAPAR, 2014).

O efeito materno é um importante fator que deve ser avaliado no desenvolvimento dos bezerros, sendo representado pela influência que o fenótipo da mãe exerce sobre o fenótipo da prole, variando em função das diferenças entre raças e matrizes, período de gestação e aleitamento, ambiente uterino, produção de leite e qualidade do colostro (CORRÊA et al., 2006).

Existem poucas metodologias adequadas para realizar-se a avaliação genética de rebanhos compostos. A utilização de metodologias destinadas para rebanhos puros pode ocasionar uma estimação errônea dos parâmetros genéticos, podendo alterar todo o planejamento de uma propriedade.

Objetivou-se com o presente trabalho estimar parâmetros genéticos de bovinos de corte de uma população multirracial, formadora da raça Purunã, em diferentes idades, propiciando a avaliação genética com um modelo que inclui o desempenho anterior ao da característica em análise, idade da vaca ao parto (linear e quadrática), grupos de contemporâneos e grupo genético a qual o animal pertence.

MATERIAL E MÉTODOS

Os dados para o presente trabalho foram fornecidos pelo Instituto Agrônômico do Paraná – IAPAR e pela Associação Brasileira de Criadores de Purunã – ABCP. O banco de dados contém informações genealógicas de 8930 animais, nascidos entre 1981 e 2016, com informações de tatuagem do animal, raça, tatuagem do touro, raça do touro, tatuagem da vaca, raça da vaca, data de nascimento da vaca, data de nascimento do animal, sexo, peso ao nascimento, data da pesagem aos 120 dias, peso aos 120 dias, data da pesagem aos 210 dias, peso aos 210 dias, data da pesagem aos 365 dias e peso aos 365 dias.

Os dados fornecidos são oriundos de animais criados predominantemente a pasto, nas propriedades do IAPAR, localizadas nos municípios de Ponta Grossa – Fazenda Modelo (coordenadas -25.152454, -50.155551) e Santa Tereza do Oeste – Fazenda Santa Tereza (coordenadas -25.088256, -53.591577), ambas no estado do Paraná.

Os dados foram conferidos através dos *softwares* Excel – Microsoft Office – e SAS® (*Statistical Analysis System*) 9.0, buscando valores discrepantes e possíveis erros no banco de dados. Em todo o banco de dados, foram encontradas 1649 informações de peso ao nascimento, 1644 de peso aos 120 dias, 7309 de peso aos 210 dias e 6030 de peso aos 365 dias, e médias de 31,5 kg, 127,6 kg, 160,3 kg e 210,1 kg, respectivamente para todas as idades.

Através do *software* SAS® 9.0, todas as tatuagens receberam uma nova numeração para viabilização das análises por meio do software utilizado para avaliação genética (BLUPF90 (Miształ, 2015)).

O modelo animal utilizado na avaliação genética inclui o desempenho anterior ao da característica em análise, idade da vaca ao parto (linear e quadrática), grupos de contemporâneos e grupo genético a qual o animal pertence.

Os grupos de contemporâneos (GC) foram formados a partir do sexo, mês e ano de nascimento dos animais. Foram formados 10 grupos de contemporâneo para o peso ao maternal, 54 grupos para o peso a desmama e 80 grupos para peso ao ano. Para o peso ao maternal, os grupos variaram entre 10 e 345 animais, com média de 174 animais por GC. Para o peso a desmama, tivemos GC com 15 a 758 animais, e média de 139 animais por GC. Para o peso ao ano, 16 a 365 animais e média de 75 animais por GC.

Para cada variável analisada foi utilizada a idade da vaca ao parto como (co) variável de forma linear e quadrática no modelo. Assumindo que a mesma exerce influência sobre os desempenhos iniciais dos animais.

Os ajustes dos pesos para cada idade foram feitos através das seguintes equações:

- Para peso ajustado à desmama (210 dias de idade):

$$PA_{210} = \frac{P_{DESM} - PN}{ID_{DESM}} * 210 + PN$$

PA_{210} = Peso à desmama padronizado para 210 dias;
 P_{DESM} = Peso observado à desmama;
 PN = Peso ao nascimento;
 ID_{DESM} = Idade em dias à desmama;

- Para peso ajustado ao ano (365 dias de idade):

$$PA_{365} = \frac{(P_{ANO} - P_{DESM})}{(ID_{ANO} - ID_{DESM})} * 155 + PA_{210}$$

PA_{365} = Peso ao ano padronizado para 365 dias;
 PA_{210} = Peso à desmama padronizado para 210 dias;
 P_{ANO} = Peso observado ao ano;
 P_{DESM} = Peso observado à desmama;
 ID_{ANO} = Idade em dias ao ano;
 ID_{DESM} = Idade em dias à desmama;

Todos os animais receberam uma ponderação com base no grau de sangue (efeito contínuo), respectivo de seu cruzamento, representados em uma matriz de quatro colunas e N linhas correspondentes ao número de animais, com valores entre 0 e 1, que somados formam 1 ou 100% do grupo genético daquele indivíduo, de acordo com as raças formadoras do genótipo daquele animal. São elas Angus (An), Caracu (Ca), Canchim (Cn) e Charolês (Ch) e seus cruzamentos.

Tais ponderações (Tabela 1) são os componentes que determinam os grupos genéticos dos animais presente nas avaliações genéticas.

Tabela 1 – Ponderação de acordo com o grupo genético.

Raça	Grupos Genéticos			
	Angus (An)	Canchim (Cn)	Caracu (Ca)	Charolês (Ch)
Angus (An)	1	0	0	0
Canchim (Cn)	0	1	0	0
Caracu (Ca)	0	0	1	0
Charolês (Ch)	0	0	0	1
½ Cn ½ An*	0,5	0,5	0	0
¾ Cn ¼ An	0,25	0,75	0	0
5/8 Cn 3/8 An	0,375	0,625	0	0
11/16 Cn 5/16 An	0,3125	0,6875	0	0
2/3 Cn 1/3 An	0,33	0,67	0	0
½ Ca ½ Ch*	0	0	0,5	0,5
¾ Ca ¼ Ch	0	0	0,75	0,25
5/8 Ca 3/8 Ch	0	0	0,625	0,375
11/16 Ca 5/16 Ch	0	0	0,6875	0,3125
2/3 Ca 1/3 Ch	0	0	0,67	0,33
½ An ½ Cn*	0,5	0,5	0	0
¾ An ¼ Cn	0,75	0,25	0	0
5/8 An 3/8 Cn	0,625	0,375	0	0
11/16 An 5/16 Cn	0,6875	0,3125	0	0
2/3 An 1/3 Cn	0,67	0,33	0	0
½ Ch ½ Ca*	0	0	0,5	0,5
¾ Ch ¼ Ca	0	0	0,25	0,75
5/8 Ch 3/8 Ca	0	0	0,375	0,625
11/16 Ch 5/16 Ca	0	0	0,3125	0,6875
2/3 Ch 1/3 Ca	0	0	0,33	0,67
¼Cn¼An¼Ca¼Ch	0,25	0,25	0,25	0,25

**Considerando a primeira linhagem para o touro e a segunda para a vaca.*

A avaliação genética foi realizada com o uso dos *softwares* livres da família BLUPF90 (Misztal et al., 2015). Foi considerado o sexo e os grupos de contemporâneo como efeitos fixos, e como covariável a pesagem (kg) anterior a análise, a idade da vaca (dias), idade da vaca ao quadrado (dias) e as proporções dos os grupos genéticos (Tabela 1). Para a formação das matrizes G (aditiva) e R (residual) utilizou-se valores médios baseados em um chute inicial, pois ao final da análise o *software* nos fornece os resultados a posteriori para as estimativas dos parâmetros.

O *software* é responsável pela formação de uma matriz genealógica com todos os animais presentes no banco de dados, independente do mesmo estar na coluna animal, touro ou vaca. Esse arquivo se faz necessário para que na próxima etapa o próprio *software* reconheça todo o parentesco entre os animais para estimar com maior acurácia seus parâmetros genéticos.

O modelo animal utilizado para avaliação genética animal foi:

$$Y = X\beta + Z_1a + Z_2m + \varepsilon$$

Em que:

Y é o vetor de observações;

X é matriz de incidência dos efeitos fixos;

β é o vetor de incidência dos efeitos fixos;

Z₁ é a matriz de incidência dos valores genéticos aditivos;

Z₂ é a matriz de incidência dos efeitos genéticos maternos nos pesos ao desmame e desconsiderado no peso ao ano.

a é o vetor de incidência dos efeitos genéticos aditivos;

m é o vetor de incidência dos efeitos genéticos maternos no peso ao desmame e desconsiderado nos pesos ao ano;

ε é o vetor dos erros aleatórios associados às observações do vetor Y.

Admitindo-se a seguinte distribuição normal univariada:

$$\begin{bmatrix} Y \\ a \\ m \\ e \end{bmatrix} \sim NUV \left\{ \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \begin{bmatrix} V & Z_1 G & Z_2 M & R \\ GZ_1' & G & \phi & \phi \\ MZ_2' & \phi & M & \phi \\ R & \phi & \phi & R \end{bmatrix} \right\}$$

Sendo **V** a matriz de (co)variância fenotípica $V = GZ_1' + MZ_2' + R$

Em que:

G é a matriz de (co)variância genética aditiva, dada por: $G = A * \sigma_a^2$

A é a matriz de coeficientes de parentesco;

σ_a^2 é o componente de variância genética aditiva;

M é a matriz de (co)variância de efeito materno, dada por: $M = I \sigma_m^2$

I é a matriz identidade de ordem igual ao número de matrizes;

σ_m^2 é o componente de variância genética aditiva materna;

R é a matriz de variância e (co)variância residual, dada por: $R = I \sigma_e^2$

I é a matriz identidade de ordem n igual ao número de observações;

σ_e^2 é o componente de variância residual.

Foram realizadas avaliações unicaracterística. Avaliaram-se as características de peso aos 210 e aos 365 dias de vida do animal. Para a análise na pesagem aos 210 consideramos o efeito materno no modelo para avaliação.

Os pacotes do *software* da família BLUPF90 tem implementado a metodologia de Inferência Bayesiana por cadeias de Monte Carlo e Markov em ciclos de Gibbs Sampling para estimação dos parâmetros lançados no modelo animal. Para os ciclos de Gibbs Sampling considerou-se 1.000.000 de ciclos, com *burn-in* (queima) de 500.000 e coleta a cada 10 informações para estimação dos parâmetros utilizados em cada modelo.

Após o término das análises, avaliou-se a convergência das cadeias pelos testes de Geweke e de Heidelberg & Welch, ambos implementados no pacote CODA, do *software* livre R.

O pacote PostGibbsF90, do *software* BLUPF90, gerou as médias das estimativas a posteriori dos parâmetros estimados, tanto genéticos como não genéticos.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Muitas informações se perdem de uma pesagem para a outra por falta de um controle da propriedade que detém o animal, em casos de morte/venda dos animais, devido ao manejo adotado, entre outros. Não são todos os criadores que realizam a pesagem aos 120 dias, o que justificaria o baixo número de informações de pesagem aos 120 dias quando comparado com os demais pesos. A partir da desmama, o número de animais nas pesagens subsequentes também diminui.

A redução no número de observações ao longo do tempo, as dificuldades para ajuste da trajetória média e a existência de tratamentos diferenciados – e não considerados no modelo estatístico, pelo fato de não estarem registrados no arquivo zootécnico – podem contribuir para a existência de variâncias residuais heterogêneas (PASSAFARO et al., 2016).

Os grupos de contemporâneos formados são de extrema importância para uma maior confiabilidade dos resultados encontrados. Fatores ambientais, como rebanho, ano e época de nascimento, sexo, idades da vaca ao parto, são importantes fontes de variação das características de produção em gado de corte (GUIMARÃES et. al., 2003). A existência de tratamentos diferenciados e não considerados no modelo estatístico, por não estarem registrados no banco de dados, podem contribuir para a existência de variâncias residuais heterogêneas (PASSAFARO et al., 2016).

O melhor desempenho de animais cruzados em relação a suas raças puras, pode ser explicado através da heterose, que se define como a superioridade genética dos animais cruzados em relação ao seus parentais. Roso & Fries (2000), definem como a superioridade do produto híbrido em relação às médias das raças paternas, ainda com a possibilidade de complementariedade entre as raças.

Na tabela a seguir, verificamos o desempenho médio para cada um dos pesos verificados no presente estudo, de acordo com o grupo genético ao qual os animais pertencem.

Tabela 2 – Desempenho médio para cada pesagem de acordo com o grupo genético.

Grupo Genético	PA210		PA365	
	N	M.P. (kg)	N	M.P. (kg)
Canchim	555	167,8	450	203,2
1/2Cn+1/2An*	247	162,3	214	197,7
3/4Cn+1/4An	133	171,5	122	197,9
5/8Cn+3/8An	86	161,4	72	185,7
11/16Cn+5/16An	31	173,2	29	213,0
2/3Cn+1/3An	42	167,4	5	191,8
Caracu	589	162,7	504	210,1
1/2Ca+1/2Ch*	221	163,4	211	201,3
3/4Ca+1/4Ch	100	164,7	96	198,3
5/8Ca+3/8Ch	91	163,8	74	199,8
11/16Ca+5/16Ch	22	140,4	22	187,2
Angus	331	154,2	284	183,9
1/2An+1/2Cn*	362	170,1	331	211,8
3/4An+1/4Cn	100	168,1	98	195,3
5/8An+3/8Cn	74	170,9	75	196,1
11/16An+5/16Cn	30	159,4	29	181,9
Charolês	337	161,5	304	189,3
1/2Ch+1/2Ca*	378	175,9	338	222,5
3/4Ch+1/4Ca	93	169,4	76	204,9
5/8Ch+3/8Ca	74	175,7	74	208,3
11/16Ch+5/16Ca	23	173,8	22	214,2
Quadri-mestiços	2336	167,6	1827	216,1
Puro Purunã	957	176,5	697	224,7

**Considerando a primeira linhagem para o touro e a segunda para a vaca.*

N: Número de observações; M.P.: Média Peso; PA210: Peso ajustado aos 210 dias de idade; PA365: Peso ajustado aos 365 dias de idade; Cn: Canchim; Ca: Caracu; An: Angus; Ch: Charolês.

Menezes et al. (2013), comparando o desempenho de animais Nelore e cruzados Nelore x Blonde d'Aquitaine do nascimento a desmama, encontraram um melhor desempenho para os animais cruzados. Os pesos médios foram, respectivamente, 158,66 kg e 167,03 kg, para os Nelore e os cruzados. Segundo

a autora, os animais cruzados são superiores em todas as características estudadas, proporcionando, inclusive, bezerros mais pesados ao nascimento, sem apresentar partos distócicos. A diferença entre os pesos dos puros e dos cruzados foi de 14,63 kg, e tende a aumentar em maiores idades, até o abate (GUIMARÃES et al., 2003; GREESLER et al., 2005).

Os parâmetros genéticos estimados são apresentados na Tabela 3 e encontram-se próximos aos valores descritos na literatura, demonstrando a qualidade dos dados.

Tabela 3 – Resultados estimados dos parâmetros genéticos para peso aos 210 e 365 dias de idade.

	N	P.M. (kg)	VarA	VarM	VarR	h²	h²_m
P210	7.309	167,4	189,03	113,15	558,64	0,22	0,13
P365	6.030	210,1	135,28	-	1005,54	0,12	-

N: Número de observações; P.M.: Peso Médio; VarA: Variância Genética Aditiva; VarM: Variância Materna; VarR: Variância Residual; h²: Herdabilidade Direta; h²_m: Variância Materna; P210: Peso aos 210 dias de idade; P365: Peso aos 365 dias de idade.

Otto (2015) realizou avaliação genética com dados de 5.436 bovinos formadores da raça Purunã para o peso a desmama, e encontrou valores de 145,62, 81,5 e 748,92 para variância genética aditiva, materna e residual, resultando em valores de herdabilidade direta e materna de 0,15 e 0,08, respectivamente. As estimativas estão abaixo dos resultados encontrados no presente estudo. O número maior de informações no presente estudo (7309) pode levar a diminuição da variância residual, que por consequência aumentaria proporcionalmente a variância aditiva e materna.

Leite et al. (2010) trabalhando com 4.228 bovinos da raça Purunã, com o objetivo de estimar parâmetros genéticos para a característica de crescimento de bovinos cruzados, e de diferentes grupos genéticos envolvidos na formação da raça Purunã, encontraram estimativas de herdabilidade para o peso à desmama de 0,24, bem próximos aos encontrados no presente trabalho (0,22). Assim, para a estimativa de herdabilidade demonstrou-se corroborada pela literatura.

Crozara et al. (2017) encontraram valores de 98,12, 45,74, 276,4 para a variância genética aditiva, materna e residual, respectivamente, para o peso aos 210 dias de idade, trabalhando com o registro de 34.137 animais da raça Nelore, distribuídos em 5 diferentes rebanhos. Estas variâncias resultam em valores de 0,2 e 0,09, respectivamente, para herdabilidade direta e materna. Os valores estão abaixo do encontrado no presente estudo (0,22 e 0,13) em animais cruzados, demonstrando a possibilidade da existência de uma maior variabilidade genética e por consequente maior resposta a seleção em rebanhos cruzados para a característica de peso ao desmame (210 dias de idade).

Em contrapartida, um estudo também com bovinos Nelore realizado em Minas Gerais por Gonçalves et al. (2011), os autores encontraram variâncias genética aditiva e materna de 474,83 e 255,72, com valores de herdabilidade direta e materna de 0,60 e 0,32, em 7.419 informações para peso a desmama (ajustado para 205 dias). Segundo o autor, cabe ressaltar que os resultados encontrados estão acima dos encontrados na literatura, podendo ser influenciados pela composição genética e pelas condições ambientais a que os animais foram submetidos, merecendo cautela à aplicação prática desses resultados para uso generalizado.

Os resultados encontrados em diversos estudos, mostram que existem uma ampla variação na estimação dos parâmetros genéticos para a característica de peso ao desmame, tanto em animais cruzados como em raças puras, o que ocorre principalmente devido as diferenças no modelo animal utilizado para realização da análise.

Otto (2015), Crozara (2017) e Ferraz Filho (2002), trabalhando respectivamente com bovinos Purunã, Nelore e Tabapuã, respectivamente, encontraram valores de 0,08, 0,09 e 0,10 para herdabilidade materna, sendo um valor próximo e corroborando o resultado para esse parâmetro no presente estudo (0,13), de acordo com a literatura. As estimativas de herdabilidade materna demonstram a influência do efeito genético materno sobre o desempenho dos animais.

O efeito materno se apresenta mais acentuado e deve ser considerado principalmente em características pré desmame, pois após o desmame, os

bezerros já não são mais dependentes da mãe, logo o efeito materno já não exerce exerce grande influência.

Para Meyer (1992), a não inclusão do efeito materno nas avaliações pode superestimar os valores genéticos aditivos diretos do animal. Quintino et al. (2009), afirmam que o efeito materno compreende aspectos comportamentais e genéticos.

Quintino et al. (2009) avaliaram os efeitos de 1.825 diferentes linhagens maternas no peso a desmama de bovinos Nelore. Eles encontraram herdabilidade materna de 0,10 no desempenho dos animais, e uma amplitude de diferença entre as linhagens maternas de até 22 kg para a característica, representando quase uma arroba e meia de diferença ao se utilizar matrizes pertencentes a uma linhagem materna favorável para essa característica, favorecendo o produtor que deseja animais mais pesados nesta idade. A identificação da linhagem materna, consiste em identificar a fêmea ancestral mais remota pela via materna, ou seja, até a última fêmea ancestral conhecida no pedigree, considerando-a, portanto uma fundadora e daí em diante denominada de linhagem materna.

Em trabalho realizado com a característica de peso ao ano, Otto (2015) trabalhando com dados de 5.339 animais puros e cruzados entre as raças formadoras do gado Purunã, encontrou valores de 57,80 e 879,73 para as variâncias genética aditiva e residual, respectivamente, resultando em uma herdabilidade de 0,06. Essa maior diferença proporcional entre as duas variâncias quando comparadas ao presente estudo, determinam o menor valor de herdabilidade encontrado pela autora.

Leite et al. (2010) com 3.782 informações de animais cruzados Purunã e idade ajustada para 360 dias, encontrou herdabilidade direta de 0,24, encontrando maior variabilidade genética no rebanho estudado pelos autores. Os autores utilizaram-se de um modelo animal que incluía os efeitos fixos da interação de ano de nascimento*estação de nascimento, diferente do presente estudo, que se utilizou do efeito fixo de sexo e dos grupos de contemporâneo formados a partir do mês e ano de nascimento dos animais.

Crozara et al. (2017) com registros de bovinos Nelore encontraram uma herdabilidade de 0,25 para o peso ao ano (365 dias de idade). Em trabalho com mais de 17 mil observações de bovinos Nelore e utilizando metodologia frequentista por máxima verossimilhança restrita no programa WOMBAT (Meyer, 2006), Boligon et al. (2010) encontraram uma herdabilidade direta de 0,26. Gonçalves et al. (2011) encontraram herdabilidade de 0,68 para a característica de peso ao ano em rebanho Nelore. Os trabalhos mostram maior variabilidade genética da raça pura Nelore em relação ao rebanho de animais cruzados do presente estudo.

Na idade de peso ao ano verificamos grande variação nos pesos pois esta característica de desempenho reflete diretamente o desempenho do bezerro no período imediatamente após a desmama. Vários fatores podem ser determinantes no desempenho nessa fase. O manejo adotado pela propriedade, a qualidade das pastagens e o fornecimento de minerais são alguns dos fatores que interferem diretamente no desempenho desses animais.

Bezerros desmamados no início da seca chegam aos 365 dias de idade com praticamente o mesmo peso da desmama, quando mantidos a pasto e sem suplementação alimentar. Já animais desmamados no início das águas, apresentam bom desenvolvimento após a desmama, atingindo bom peso ao ano (MILAGRES, 1992).

No trabalho de Ferraz Filho et al. (2011) com dados de bovinos da raça Tabapuã, os mesmos encontraram uma variância genética aditiva de 121,94, variância residual de 548,04 e herdabilidade de 0,17. A maior herdabilidade estimada houve devido à diminuição da variância residual, pelas inclusões dos valores de variância permanente de ambiente e inclusão de efeito materno no modelo animal.

Em outro trabalho com gado Tabapuã, Guimarães et al. (2003) trabalhando com dados de 3.461 animais para a característica de peso ao ano, encontraram variância genética aditiva e residual de 67,35 e 488,2, respectivamente. A herdabilidade encontrada foi de 0,12, mesmo valor encontrado no presente estudo, corroborando a qualidade dos dados perante a literatura.

Perotto et al. (2001) encontraram resultados que demonstram a superioridade dos animais cruzados perante a raça pura Nelore. Os autores verificaram pesos de 185,56 kg e 168,08 kg para animais puros, machos e fêmeas, respectivamente, para a característica de peso ao ano. Em animais Nelore cruzados com Guzerá, verificou-se 198,14 kg e 183,04 kg, cruzados com Red Angus 236,08 kg e 210,53 kg e cruzados com Marchigiana: 219,19 kg e 209,05 kg. Em todos os cruzamentos, os animais cruzados mostraram os resultados da heterose, que como afirmado anteriormente por Guimarães et al. (2003) e Greesler et al. (2005), a diferença entre os puros e os cruzados tende a aumentar em maiores idades.

Os valores de herdabilidade apresentados no presente trabalho são de magnitude baixa a moderada para ambas as características, demonstrando que existe a possibilidade de se obter ganhos genéticos pela seleção nas características de desempenho peso a desmama e peso ao ano. Uma seleção intensa pode resultar em melhoras no desempenho médio da população e, conseqüentemente, promover progresso genético nas características de crescimento ao longo dos anos (GONÇALVES et al., 2011).

CONCLUSÃO

Existe variação genética no peso ao desmame (210 dias de idade) e ao ano (365 dias de idade), verificado por meio das estimativas dos parâmetros genéticos. O modelo animal considerando como covariáveis, a pesagem na idade anterior, a idade da vaca ao parto (linear e quadrática), os grupos de contemporâneos e os grupos genéticos, demonstrou-se eficiente para realização da avaliação genética dos pesos ao desmame e ao ano de bovinos formadores da raça Purunã, apresentando-se como uma alternativa para avaliação genética de bovinos oriundos de linhagens sintéticas.

CONSIDERAÇÕES

A estimação de parâmetros genéticos para as características de peso a desmama e ao ano são importantes ferramentas dentro do melhoramento genético do gado de corte, e através da correta avaliação destes valores, pode-se selecionar animais com boas DEPs, que irão transmitir a mesma característica para sua prole.

Existe variação genética no peso ao desmame (210 dias de idade) e ao ano (365 dias de idade), verificado por meio das estimativas dos parâmetros genéticos. Os valores encontrados no presente estudo variam em relação aos relatados na literatura, podendo ser explicados através das diferenças no modelo animal utilizado.

O modelo animal considerando como covariáveis, a pesagem na idade anterior, a idade da vaca ao parto (linear e quadrática), os grupos de contemporâneos e os grupos genéticos, demonstrou-se eficiente para realização da avaliação genética dos pesos ao desmame e ao ano de bovinos formadores da raça Purunã, apresentando-se como uma alternativa para avaliação genética de bovinos oriundos de linhagens sintéticas.

Como perspectiva para estudos futuros ressalta-se a importância de manter-se um correto controle genealógico nas propriedades melhoradoras do seu rebanho, para com isso realizar-se uma correta avaliação genética, com o uso de um modelo animal adequado, que reflitam em valores de DEPs com alta acurácia, levando a uma correta escolha dos animais reprodutores.

REFERÊNCIAS

- ARAUJO, C. V., OLIVEIRA, L.A., ARAUJO, S. I., SILVA, D. A., SILVA, A. A. Impacto da Distribuição de Número Desigual de Progenies por Reprodutor na Avaliação Genética de Animais, em Ambientes com Presença de Heterogeneidade de Variância Ambiental. **Ciência Animal Brasileira**, Goiânia, v.18, p. 1-9, 2017.
- BARROS JÚNIOR, C.P., BORGES, L.S., SOUSA, P. H. A. A., OLIVEIRA, M. R. A., CAVALCANTE, D. H., ANDRADE, T. V., BARROS, C.D., SOUSA JÚNIOR, S. C. Melhoramento genético em bovinos de corte (*Bos indicus*). **Nutritime Revista Eletrônica**, v. 13, n. 1, p. 4558-4564, 2016.
- BEEF REPORT: PERFIL DA PECUÁRIA NO BRASIL – Associação Brasileira das Indústrias Exportadoras de Carne – ABIEC, 2019.
- BOLIGON, A. A.; ALBUQUERQUE, L. G. D; MERCADANTE, M. E. Z.; LÔBO, R. B. Study of relations among age at first calving, average weight gains and weights from weaning to maturity in Nellore cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 39(4), p. 746-751, 2010.
- CARVALHO, T.B., ZEN, S. A cadeia de Pecuária de Corte no Brasil: evolução e tendências. **Revista iPecege**, v. 3, n. 1, p. 85-99, 2017.
- CORRÊA, M.B.B.; DIONELLO, N.J.L.; CARDOSO, F.F. Influência ambiental sobre características de desempenho pré-desmama de bovinos Devon no Rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.3, p.1005-1011, 2006.
- CROZARA, A.S., GUIMARÃES, N.C., VIU, M.A.O., MAGNABOSCO, C.U., LOPES, F.B., LOPES, D.T., MAMEDE, M.M.S., JACOVETTI, R. Parâmetros genéticos de caracteres de crescimento em bovinos da raça nelore em rebanhos selecionados. In: **CONGRESSO BRASILEIRO DE ZOOTECNIA, 27., Santos. Anais [eletrônicos]...** Brasília, DF: Associação Brasileira de Zootecnistas. Zootec., 2017.

ELZO, M.A.; BORJAS, A.L.R. Perspectivas da avaliação genética multirracial em bovinos no Brasil. 2004.

FACO, O., VILLELA, L.C.V. Conceitos Fundamentais do Melhoramento Genético Animal. **Embrapa Caprinos e Ovinos. Do campus para o campo: tecnologias para produção de ovinos e caprinos.** Fortaleza: p. 197-204, 2005.

FARIA, C.U.; LÔBO, R.B.; MAGNABOSCO, C.U.; DIAS, F.J.S.; SAENZ, E.A.C. Impactos da pesquisa científica no melhoramento genético de bovinos de corte para qualidade da carne. **Publicações em Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 2, n. 31, 2008.

FARIA, C.U.D., MAGNABOSCO, C.D.U., REYES, A.D.L., LÔBO, R.B., BEZERRA, L. A. F. Inferência bayesiana e sua aplicação na avaliação genética de bovinos da raça nelore: revisão bibliográfica. 2007.

FERRAZ FILHO, P.B., RAMOS, A.D.A., SILVA, L.O.C.D., SOUZA, J.C.D., ALENCAR, M.M.D., MALHADO, C.H.M.. Tendência genética dos efeitos direto e materno sobre os pesos à desmama e pós-desmama de bovinos da raça Tabapuã no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, p. 635-640, 2002.

FRIES, L.A. Calculando e decompondo heterozigoses. In: **SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, Ribeirão Preto. Anais...** Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, p.246-248, 1996.

GARNERO, A.D.V., MARCONDES, C.R., ARAÚJO, R.O., OLIVEIRA, H.N., LÔBO, R.B. Inferência bayesiana aplicada à estimação de herdabilidades dos parâmetros da curva de crescimento de fêmeas da raça Nelore. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 43, n. 4, 2013.

GIANOLA, D., FERNANDO, R.L. Bayesian methods in animal breeding theory. **Journal of Animal Science**, v. 63, n. 1, p. 217-244, 1986.

GONÇALVES, F.M., PIRES, A.V., PEREIRA, I.G., GARCIA, D.A., FARAH, M.M., MEIRA, C.T., CRUZ, V.A. Avaliação genética para peso corporal em um rebanho Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 63, n. 1, p. 158-164, 2011.

GREESLER, M.G.M., PEREIRA, J.C.C., BERGMANN, J.A.G., ANDRADE, V.J., PAULINO, M.F., GRESSLER, S.L. Aspectos genéticos do peso à desmama e de algumas características reprodutivas de fêmeas Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.57, n.4, p.533-538, 2005

GUIMARÃES, L.B., FERRAZ FILHO, P.B., SOUZA, J.C., SILVA, L.O.C. Aspectos genéticos e de ambiente sobre pesos pré e pós desmama em bovinos da raça Tabapuã na região pecuária oeste São Paulo – Paraná. **Archives of Veterinary Science**, v.8, n.1, p.109-119, 2003.

INSTITUTO AGRONÔMICO DO PARANÁ – IAPAR – Secretaria de Estado da Agricultura e do Abastecimento. Purunã – A raça que vale por 4. Disponível em: <http://www.iapar.br/arquivos/File/zip_pdf/puruna.pdf>. Acesso em: 31 mar 2018.

LEITE M.C.P., MARTINS E.N., PEROTTO D., SANTOS A.L. Estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento de diferentes raças e cruzamentos de bovinos de corte envolvidos na formação da raça Purunã. In: **VIII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal. Anais...** Maringá, 2010.

LOBO, R.N.B., LOBO A.M.B.O. Melhoramento genético como ferramenta para o crescimento e o desenvolvimento da ovinocultura de corte. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, Belo Horizonte, v.31, n.2, p.247-253, 2007.

MENEZES, L.M., PEDROSA, A.C., PEDROSA, D., FERNANDES, S. Desempenho de bovinos Nelore e cruzados Blonde d'Aquitaine x Nelore do nascimento ao desmame. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v. 14, n. 1, 2013.

MEYER, K. WOMBAT: A program for mixed model analyses by restricted maximum likelihood. **Manual Version**, v. 1, p. 77, 2006.

MEYER, K. Variance components due to direct and maternal effects for growth traits of Australian beef cattle. **Livestock Production Science**, v. 31, p. 179-204, 1992.

MILAGRES, J.C. Seleção dentro de rebanho gado de corte. **EMBRAPA-CNPGC**, 1992.

MISZTAL, I. Complex models, more data: Simpler programming?. **Interbull Bulletin**, n. 20, p. 33, 1999.

MISZTAL, I., TSURUTA, S., LOURENCO, D., AGUILAR, I., LEGARRA, A., VITEZICA, Z. Manual for BLUPF90 family of programs. Athens: University of Georgia, 2015.

MISZTAL, I., TSURUTA, S., STRABEL, T., AUVRAY, B., DRUET, T., LEE, D.H. BLUPF90 and related programs (BGF90). In: **Proceedings of the 7th world congress on genetics applied to livestock production**. p. 743-744. 2002.

OTTO, P.I. **Estimação de efeito materno e parâmetros genéticos para ganho de peso à desmama e ao ano em bovinos utilizados na formação da raça Purunã**. 2015. 56f. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Paraná, Palotina, Paraná, 2015.

PASSAFARO, T. L., OLIVEIRA FRAGOMENI, B., GONÇALVES, D. R., MORAES, M. M., TORAL, F. L. B. Análise genética do peso em um rebanho de bovinos Nelore. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 51(2), p. 149-158, 2016.

PERFIL DA PECUÁRIA NO BRASIL – RELATÓRIO ANUAL – Associação Brasileira das Indústrias Exportadoras de Carne – ABIEC, 2018.

PEREIRA, J.C.C. Melhoramento genético aplicado à produção animal. **FEPMVZ Editora**, 5 ed, Belo Horizonte, 2008.

PEROTTO, D., CUBAS, A.C., ABRAHAO, J.D.S., MELLA, S.C. Ganho de peso da desmama aos 12 meses e peso aos 12 meses de bovinos Nelore e cruzas com Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 30, n. 3, p. 730-735, 2001.

PEROTTO, D. Raças e cruzamentos na produção de bovinos de corte. Curitiba: SENAR, 2000.

QUINTINO, H.P., FERRAZ, J., ELER, J.P., BALIEIRO, J., MOURÃO, G.B., MATTOS, E.C., FIGUEIREDO, L. Linhagem materna: qual a sua influência em características pré e pós desmama em bovinos da raça Nelore? **Livestock Research for Rural Development**, 2009.

RESENDE, M.D.V. Inferência Bayesiana e simulação estocástica (amostragem de Gibbs) na estimação de componentes de variância e de valores genéticos em plantas perenes. **Embrapa Florestas-Documentos** (INFOTECA-E), 2000.

ROSA, A. N., MARTINS, E.N., MENEZES, G. R. O., SILVA, L. O. C. **Melhoramento genético aplicado em gado de corte: Programa Genepplus-Embrapa**. Brasília, DF: Embrapa, 2013. 256 p.

ROSO V.M.; FRIES L.A. Avaliação das heteroses materna e individual sobre o ganho de peso do nascimento ao desmame em bovinos Angus x Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.3, p.732-737, 2000.

SCHLESINGER, Sérgio. O gado bovino no Brasil. 2009.

SILVA, M.C., BOAVENTURA, V.M., FIORAVANTI, M.C.S. História do povoamento bovino no Brasil Central. **Revista UFG**, v. 13, n. 13, 2012.